

Um Sistema Imunológico Artificial para Recuperação de Imagens Baseadas em Conteúdo

Mário Henrique Gontijo Freitas
Universidade Federal de Minas Gerais
Instituto de Ciências Exatas
Av. Antônio Carlos, 6627 - Pampulha - Belo Horizonte - MG, Brasil
mario@lsi.cefetmg.br

Resumo

Nos sistemas de Visão Computacional, o processo de cálculo de similaridade entre imagens é uma das tarefas mais complexas, pois necessita ser robusta o suficiente para detectar que duas ou mais imagens são semelhantes mesmo com a influência de variações na luminosidade, ângulo de visão, rotação e ruídos. Muitos métodos de descrição e de casamento de imagens que existentes são aplicados a imagens de propósito específico, devido as limitações matemáticas e algorítmicas que temos para representar o modelo de visão humana. A partir da combinação de técnicas recentes de Visão Computacional para a descrição e casamento de imagens e de Inteligência Computacional para a organização das imagens, é proposta uma melhoria no trabalho "Image Retrieval Model Based on Immune Algorithm", a fim de criar um sistema de Content Based Image Retrieval (CBIR) de propósito geral.

1. Introdução

A área de CBIR é composta por qualquer tecnologia que atua no auxílio da organização de arquivos digitais de imagens pelos seus conteúdos visuais [5]. Os principais processos que compõem a CBIR são a descrição de imagens por vetores de características e a utilização dessas descrições na realização do cálculo de similaridade entre imagens.

1.1. Descritores de imagem

Apesar do esforço na área de recuperação de imagens ainda não foram encontrados métodosos computacionais significativos para caracterizar a visão humana. Diante desta lacuna existente cabe destacar duas questões importantes dessa limitação [5]:

- Como descrever matematicamente uma imagem de forma adequada;
- Como comparar a similaridade entre duas imagens, baseada na descrição de ambas.

A representação de uma imagem digital por uma matriz de pixels pouco auxilia na sua compreensão e não define atributos que a diferencie de outras imagens. Dessa forma, a representação matemática de uma imagem usada para fins de busca é conhecida como sua assinatura. A assinatura de uma imagem é obtida através de algoritmos chamados *descritores de imagens*.

Essa assinatura, ou descrição identifica uma imagem de maneira única, e deve ser robusto o suficiente para detectar objetos semelhantes em imagens diferentes, mesmo com variações de luminosidade, ângulo de visão, rotação e existência de ruídos.

Existem dois tipos de descritores de imagens:

- Os globais representam uma imagem por meio de atributos que contêm informações sobre seu conteúdo como um todo. Por exemplo, histograma de cores ou de tons de cinza podem compor um descritor global.
- Os descritores locais obtêm informações de pontos característicos nas imagens. Dessa forma sua representação varia de acordo com o conteúdo da imagem. Muitos descritores locais se baseiam no contorno das imagens para compor sua representação. Dois descritores locais bastante utilizados em CBIR são o SIFT e o SURF [10],[1].

Como a maioria das imagens existentes são compostas por um objeto e seu plano de fundo ou vários objetos, o uso de descritores globais não é apropriado. Uma alternativa é utilizar descritores globais em imagens segmentadas [2]. Dessa forma, o descritor global atua de forma similar a um local.

1.2. Casamento de Imagens

O casamento de imagens compõe o núcleo da CBIR [7]. Os algoritmos de casamento imagens fazem comparações entre descritores de duas imagens sendo retornado um índice de similaridade que representa quão parecidas as duas imagens são. Caso sejam encontrados pontos chave comuns às duas imagens, pode-se dizer que elas possuem elementos em comum (Como por exemplo, duas imagens que têm um mesmo objeto em ambas) [5], [10].

A maneira mais comum de calcular a similaridade entre duas imagens é feita a partir do cálculo da distância euclidiana entre dois descritores de duas imagens distintas [7]. Caso o valor dessa distância seja menor que um certo limiar pode-se concluir que ambos os descritores referenciam um mesmo ponto nas duas imagens [5], [10]. O grande problema de utilizar esta técnica é o alto custo computacional, que chega a ter uma ordem de complexidade quadrática.

Alguns algoritmos tem como finalidade a melhoria do processo de casamento de imagens, seja pela redução do número de descritores de imagens, ou por estratégias que evitam a comparação entre todos os pontos chaves das duas imagens, fazendo antes uma amostragem daqueles que são mais significativos. A redução do número de descritores de uma imagem geralmente é feita utilizando uma base de descritores, que são selecionados de acordo com o número de ocorrências em um conjunto de imagens [13][9]. Algumas técnicas que reduzem o tempo de comparação são baseadas na organização dos descritores em tabelas hash e em agrupamentos [3][4].

2. Sistemas Imunológicos Artificiais

Sistemas Imunológicos Artificiais (SIA) fazem parte da área da computação denominada sistemas inteligentes, e da sub-área da computação inspirada na biologia. Essa subcategoria é composta de sistemas que são criados a partir da análise do comportamento da natureza ou de organismos vivos, e tenta sintetizar na forma de um algoritmo. Os SIA se embasam no funcionamento do sistema imunológico dos mamíferos na construção de sistemas adaptativos para a solução de problemas de busca e de otimização.

Em linhas gerais, um sistema imunológico funciona da seguinte forma: o corpo do animal é composto de células protetoras que se localizam no sangue, chamados de *linfócitos*. Eles guardam informações sobre doenças (as células maliciosas que causam doenças são conhecidas por *antígenos*) que podem vir a atacar o corpo assim que o animal nasce, mas também pode adquirir a habilidade de se curar de outras doenças através da mutação dessas células. Outra forma de defesa do corpo pode ser criada a partir da inserção de vacinas, que forçam o organismo

a criar proteções para as possíveis doenças trazidas por ela. Assim é criada uma espécie de memória no corpo do animal, contendo os *anticorpos* (que são as células que atacam os *antígenos*) das doenças conhecidas. Quando um animal sofre um ataque de um *antígeno* conhecido, as células de proteção relacionadas a ele são multiplicadas para anular o efeito da doença. Caso seja um *antígeno* desconhecido, o organismo tentará a partir dos linfócitos existentes e do processo de mutação adaptar-se para criar um anticorpo capaz de extinguir a doença [6].

O SIA, de forma semelhante ao funcionamento do sistema imunológico dos mamíferos, possui os antígenos, que representam a entrada no algoritmo imunológico (AI), e os anticorpos, que representam o resultado gerado pelo algoritmo. Através do processo de clonagem e mutação dos linfócitos, que seria o meio pelo qual o algoritmo percorre o espaço de buscas (no caso desta proposta, os linfócitos seriam a base de imagens), são geradas soluções que se utilizam da entrada em conjunto com a memória existente armazenada durante o uso contínuo do algoritmo. Esta memória guia padrões de entrada conhecido para respostas esperadas. Na seção de trabalhos recentes pode ser visto um exemplo de aplicação deste tipo de algoritmo no cálculo de similaridade de imagens [6].

3. Metodologia

O sistema imunológico artificial proposto é composto por duas etapas, sendo elas a recuperação de imagens baseadas em conteúdo e o relevance feedback daquelas mais similares de acordo com a avaliação do usuário. As imagens utilizadas foram convertidas previamente para uma versão adaptada do descritor SURF para que fossem feitos os cálculos de similaridade entre elas.

Na primeira etapa do algoritmo imunológico, uma imagem Q a ser pesquisada é fornecida como entrada ao sistema. A partir de Q é feita uma pesquisa entre ela e as imagens do conjunto de dados, sendo retornadas aquelas mais similares a Q de acordo com os critérios do algoritmo. A segunda etapa consiste na avaliação visual das imagens retornadas pelo sistema pelo usuário e a escolha daquela que se parece mais com Q . Essa imagem então é pontuada e esse resultado influenciará no retorno das próximas imagens em outras utilizações do SIA. As próximas seções descrevem em detalhes o funcionamento das duas etapas.

3.1. Descritor de Imagens

Antes de se aplicar os algoritmos que farão a RIBC e o relevance feedback é necessário transformar as imagens do conjunto de dados em um formato cujo cálculo da similaridade entre elas possa ser feito com maior precisão e rapi-

dez. Para isso utilizou-se o descritor local SURF, que é um algoritmo que faz a extração de pontos chave em uma imagem e calcula para cada um deles um descritor que é invariante a alterações na escala, iluminação, ponto de vista (*view point*) e pequenas alterações na cena [1]. A versão do descritor SURF utilizada neste trabalho é a disponibilizada pelos autores desta técnica.

Para fins comparativos, foi implementado um descritor global composto pelo histograma de valores HSV e os sete momentos invariantes da imagem, como propõe [7]. Na seção de resultados são expostos os testes realizados com ambos os descritores de imagens.

3.2. Conjunto de dados

O conjunto de dados utilizado para este trabalho foi a ALOI (Amsterdam Library of Object Images) [8]. Este conjunto é composto por imagens de 1000 objetos obtidas em ambiente controlado (fundo preto com variações na cor da iluminação, posição da fonte luminosa ou nas poses dos objetos). Para esse trabalho foram utilizadas as imagens de 50 objetos com suas poses variadas, descartando as imagens com variação na iluminação. Cada objeto foi rotacionado por 72 vezes (com variações de 5 graus entre cada rotação) obtendo assim imagens em diferentes ângulos. Somente as 10 primeiras imagens de cada objeto rotacionadas entre 0° e 45° foram utilizadas neste trabalho. No total o conjunto de dados N é composto por $50 \times 10 = 500$ imagens.

Como pré-requisito do algoritmo imunológico utilizado, estas imagens foram agrupadas a partir do algoritmo de clusterização k-Means [11], com o número de agrupamentos igual a \sqrt{N} , sendo N o tamanho do nosso conjunto de dados, como propõe [12]. Outros algoritmos de agrupamentos podem ser utilizados para esta tarefa, mas o k-Means foi escolhido por ser simples e robusto para tal finalidade. Como este processo é feito antes da execução do algoritmo imunológico, o tempo para sua realização pode ser considerado.

Cada cluster agrupa as imagens de acordo com o grau de similaridade entre seus descritores e tem um centróide com valor igual ao vetor de menor distância entre todos os elementos de um grupo. Esses centróides são usados no SIA para redução do espaço de busca no conjunto de imagens pesquisadas. A próxima seção detalha o funcionamento do algoritmo imunológico.

3.3. Algoritmo Imunológico

A aplicação do algoritmo imunológico proposto na RIBC provê uma forma de melhorar o tempo gasto na pesquisa por imagens em um conjunto de dados grande através da redução do espaço de busca. Isso é feito a par-

tir de uma pesquisa prévia nos centróides antes de se pesquisar as imagens de um determinado agrupamento.

Dois parâmetros precisam ser definidos para a execução do algoritmo imunológico. São eles:

- m : Define o número de clusters cujas imagens devem ser pesquisadas. Estes clusters serão escolhidos de acordo com a similaridade entre suas centróides e a imagem Q fornecida como pesquisa.
- W : Define o número máximo de imagens a serem retornadas a cada iteração do algoritmo. Essas imagens virão dos m clusters cuja centróide é mais similar a Q .

O algoritmo imunológico funciona da seguinte forma: dada uma imagem de pesquisa Q como entrada e um conjunto de N imagens agrupadas em \sqrt{N} clusters, realize os passos:

- Calcula a similaridade ($Sim(Q, V_k)$) entre os descritores de Q e os centróides V_k de cada cluster k ;

$$Sim(Q, V_k) = \frac{1}{\sqrt{\sum (Q[i] - V_k[i])^2}}$$

- Para os m ($m < \sqrt{N}$) clusters cujos centróides são mais similares a Q
- Pesquise entre os m clusters a imagem mais similar a Q e defina como Q' ;
- Calcula o número de imagens a serem retornadas de cada um dos m clusters, de acordo com a função abaixo. No caso, $numk$ representa o número de imagens a serem retornadas do cluster k ;

$$numk = \frac{Sim(Q, V_k) * \frac{Mem(Q', V_k)}{\sum Mem(Q', V_j)}}{\sum Sim(Q, V_i) * \frac{Mem(Q', V_i)}{\sum Mem(Q', V_j)}}$$

- Para cada cluster k , retorne as $numk$ imagens mais similares

O sistema então retornará todas as imagens que segundo seu critério de avaliação são similares a Q .

O fato da escolha da imagem Q' como a mais similar a Q é utilizada no relevance feedback. O sistema possui uma matriz de contadores $Mem[N][\sqrt{N}]$ que expressa a memória do sistema imunológico através da relação entre todas as imagens do conjunto de dados e os clusters. Quando uma imagem i é escolhida pelo usuário como sendo a mais similar a Q entre as retornadas pelo sistema, é incrementado na matriz o contador de posição $Mem[indQ'][c]$, sendo $indQ'$ o índice da imagem Q' no conjunto de dados e c o índice do cluster onde a imagem i se encontra. Os valores dessa matriz influenciam no cálculo da função $numk$, pois quanto maior o feedback entre uma determinada imagem e um cluster, mais imagens desse cluster serão retornadas nas próximas iterações do algoritmo.

Os resultados da aplicação desse algoritmo mostraram-se satisfatórios quando aplicados em imagens utilizando descritores globais baseados no histograma HSV e momentos invariantes [7]. O desenvolvimento deste trabalho permitirá realizar comparações com o uso desse algoritmo aliado com os descritores locais de imagens e a representação de uma imagem pelo SURF.

Para avaliar o SIA aplicado em imagens representadas por descritores globais e locais foi estabelecida a seguinte metodologia para os testes. São pesquisadas imagens da ALOI no sistema imunológico. A cada iteração, as mais similares segundo a avaliação do algoritmo são exibidas ao usuário, que então vota naquela que julga ser mais similar com a imagem Q fornecida como entrada (*relevance feedback*). Então o algoritmo incrementa a memória para a imagem escolhida e executa novamente a pesquisa, retornando novas imagens. Nos testes, o *relevance feedback* é repetido por 5 vezes para cada imagem. Em testes preliminares notou-se que na maioria dos casos, o retorno de imagens se estabilizava a partir da terceira iteração do *relevance feedback* (a imagens retornadas na iteração atual eram as mesmas da iteração anterior), o que torna desnecessário a realização desta tarefa por mais de 5 vezes.

Como parâmetros de entrada do SIA para a realização dos testes, foi adotado que as imagens retornadas para o usuário virão dos 5 clusters mais similares a Q ($m = 5$) e o número máximo de imagens a serem retornadas por iteração é de 20 imagens ($W = 20$). Quanto menor o valor de m e W , maior será a redução do espaço de busca.

Para os testes foram criados dois roteiros aplicados em ambos descritores (SURF e HSV), que se diferenciam pela natureza das imagens pesquisadas. O primeiro roteiro (chamado de roteiro 1) contém 10 imagens de pesquisa que estão contidas no conjunto de dados de 500 imagens. O outro roteiro (chamado de roteiro 2) contém 10 imagens que não estão no conjunto de dados, mas que são muito similares a imagens pertencentes ao conjunto, devido ao formato do objeto na imagem. Com isso pode-se testar a robustez do algoritmo imunológico para encontrar tanto imagens de um mesmo objeto quanto objetos muito parecidos, mas que diferem de cor ou ponto de vista.

A contabilização dos resultados das pesquisas das 20 imagens (10 para cada roteiro de testes) foi feita calculando média do número de imagens retornadas e a média das imagens consideradas iguais (ou similares, no caso do roteiro 2) dentre as retornadas durante as iterações do *relevance feedback* para uma imagem de pesquisa Q . No caso em que as imagens retornadas são completamente diferentes (não há entre as imagens retornadas alguma igual ou similar a fornecida como entrada), o *relevance feedback* não é aplicado, e a média é aplicada considerando as iterações executadas.

4. Resultados

Abaixo temos os gráficos que sintetizam os resultados obtidos pelos dois roteiros de testes aplicados ao algoritmo imunológico utilizando descritores globais e locais para representar as imagens. Cada coluna do gráfico representa o resultado da pesquisa de uma determinada imagem. A barra vermelha indica o número médio de imagens retornadas nas 5 iterações do algoritmo imunológico de acordo com o *relevance feedback*. A barra azul representa a quantidade média de imagens retornadas que eram iguais (ou similares, no caso do roteiro 2) à imagem fornecida como entrada.

4.1. Descritor local SURF

O número médio de imagens retornadas para imagens iguais utilizando o SURF foi extremamente baixo, como pode ser notado nos gráficos (barras azuis baixas ou inexistentes). Durante o processo de construção dos descritores SURF notou-se que o número de pontos chaves detectados nas imagens era baixo (entre 20 e 50 descritores por imagem). Isso pode ter resultado em um baixo desempenho do casamento de imagens e assim a diferença entre uma imagem igual e uma totalmente diferente não é clara para o algoritmo. Como na maioria dos casos nenhuma imagem igual foi retornada na primeira iteração do algoritmo imunológico, o processo de *relevance feedback* não pôde ser feito.

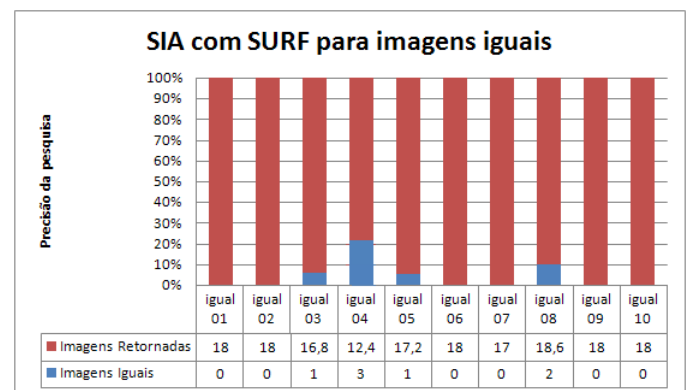


Figura 1. Pesquisas realizadas com imagens contidas no conjunto de dados.

Assim como no roteiro 1 para imagens descritas pelo SURF, o resultado para pesquisa de imagens similar também não foi satisfatório. Como se pode ver no gráfico, em apenas um teste foi retornada uma im-

agem equivalente à fornecida como entrada, o que inviabiliza o uso desta técnica para recuperação de imagens similares.

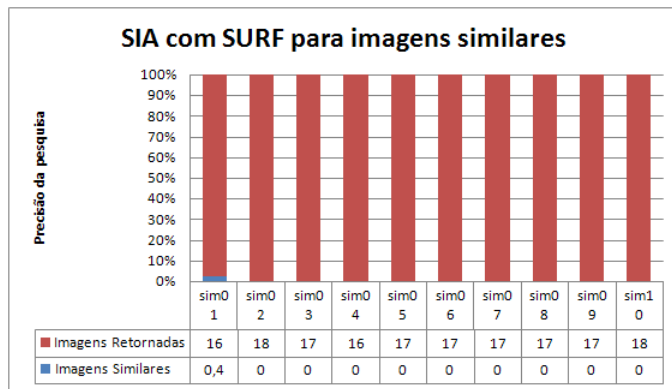


Figura 2. Pesquisas realizadas com imagens similares àquelas contidas no conjunto de dados.

A seguir são mostrados os resultados obtidos para os testes do SIA utilizando imagens convertidas pelo descritor global HSV.

4.2. Descritor global HSV

O descritor HSV mostrou ser bem melhor do que o SURF quando aplicados as imagens da ALOI, como se pode ver nos gráficos abaixo. Ainda existem casos que na primeira execução do algoritmo para uma imagem de pesquisa, nenhuma imagem igual ou similar foi encontrada, mas a ocorrência desses fenômenos é bem menor do que nos testes do SURF.

A pesquisa por imagens similares gerou alguns resultados muito bons, com o caso da imagem similar 04 que obteve um resultado médio de quase 50% das imagens retornadas. Isso mostra que os momentos invariantes representam bem imagens cujo contorno dos objetos da cena estejam bem definidos. Mesmo assim, os resultados obtidos não foram tão bons quanto os encontrados em [7].

A partir dos resultados descritos nessa seção, podemos tirar algumas conclusões sobre o uso dos descritores de imagens globais e locais, aplicados ao algoritmo imunológico.

5. Conclusões

A partir dos resultados, pode-se concluir que apesar do uso de descritores globais não serem tão eficazes quando

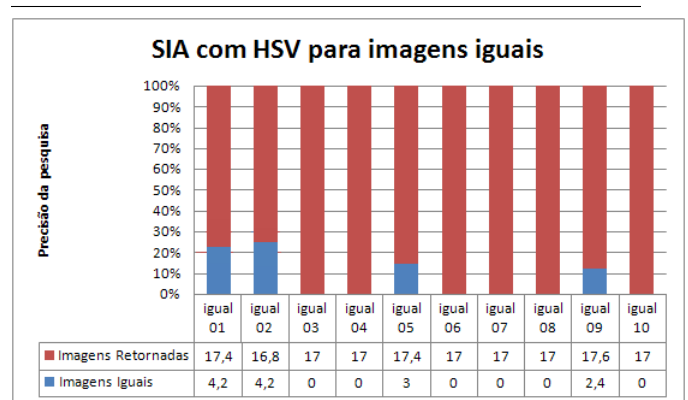


Figura 3. Pesquisas realizadas com imagens contidas no conjunto de dados.

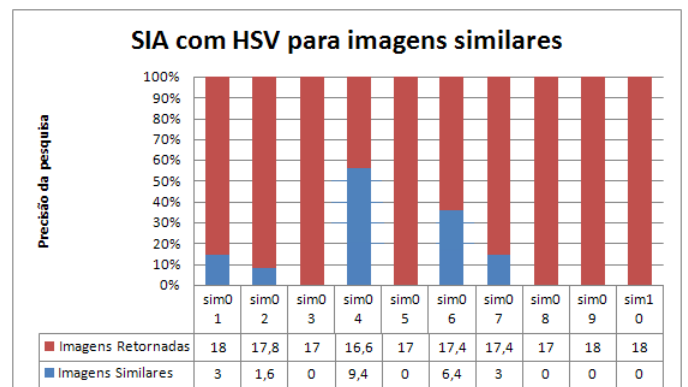


Figura 4. Pesquisas realizadas com imagens similares àquelas contidas no conjunto de dados.

aplicados ao conjunto de imagens, eles ainda assim são melhores que os descritores locais. Os resultados obtidos em [7] foram melhores que os obtidos nesse trabalho pois as imagens que compunham o dataset eram em sua maioria de cores predominantes, ao contrário das imagens da ALOI, que por possuírem o fundo preto influenciam no cálculo do histograma HSV.

Os momentos invariantes, existentes no descritor global HSV mostrou-se eficaz na pesquisa por imagens similares. Isso ocorre devido ao fato dos objetos estarem posicionados sobre um fundo preto, o contorno dos objetos contidos nas imagens se torna mais destacado. Logo, em casos onde as imagens sofrem a influência do plano de fundo da cena, a segmentação pode ser uma solução para destacar o con-

torno dos objetos de interesse.

Quanto ao SURF, a baixa quantidade de descritores obtidos nas imagens do ALOI pode ter influenciado na péssima precisão desta técnica. A aplicação de um descritor global em conjunto com o SURF (como por exemplo um histograma de intensidades de cores) traria melhoras apenas na recuperação de imagens iguais, mas o retorno de imagens similares ainda seria deficiente.

Dessa forma, o descritor global proposto em [7] é o mais recomendável a ser utilizado em pesquisas por imagens iguais e similares.

Referências

- [1] H. Bay, A. Ess, T. Tuytelaars, and L. V. Gool. Surf: Speeded up robust features. *Computer Vision and Image Understanding (CVIU)*, 110, 2008.
- [2] N. Ben-Haim, B. Babenko, and S. Belongie. Improving web-based image search via content based clustering. *International Workshop on Semantic Learning Applications in Multimedia (SLAM)*, 2006.
- [3] M. S. Charikar. Similarity estimation techniques from rounding algorithms. In *In Proc. of 34th STOC*, pages 380–388. ACM, 2002.
- [4] M. Datar and P. Indyk. Locality-sensitive hashing scheme based on p-stable distributions. In *In SCG 04: Proceedings of the twentieth annual symposium on Computational geometry*, pages 253–262. ACM Press, 2004.
- [5] R. Datta, D. Joshi, J. Li, James, and Z. Wang. Image retrieval: Ideas, influences, and trends of the new age. *ACM Computing Surveys*, 39, 2006.
- [6] L. N. de Castro Silva. Engenharia imunológica: Desenvolvimento e aplicação de ferramentas computacionais inspiradas em sistemas imunológicos artificiais, Maio 2001.
- [7] F. Duan, X. Li, J. Liu, and K. Xie. Image retrieval model based on immune algorithm. *Workshop on Intelligent Information Technology Application*, 2007.
- [8] J. M. Geusebroek, G. J. Burghouts, and A. W. M. Smeulders. The amsterdam library of object images. *Int. J. Comput. Vision*, 61:103–112, 2005.
- [9] S. Jamshy, E. Krupka, and Y. Yeshurun. Reducing keypoint database size. In *Image Analysis and Processing (ICIAP 2009)*, pages 113–122, 2009.
- [10] D. G. Lowe. Distinctive image features from scale-invariant keypoints. *International Journal of Computer Vision*, 2004.
- [11] J. B. MacQueen. Some methods for classification and analysis of multivariate observations. In L. M. L. Cam and J. Neyman, editors, *Proc. of the fifth Berkeley Symposium on Mathematical Statistics and Probability*, volume 1, pages 281–297. University of California Press, 1967.
- [12] H.-S. Park, S.-H. Yoo, and S.-B. Cho. A fuzzy clustering algorithm for analysis of gene expression profiles. In *PRICAI*, pages 967–968, 2004.
- [13] P. Turcot and D. G. Lowe. Better matching with fewer features: The selection of useful features in large database recognition problems. *ICCV Workshop on Emergent Issues in Large Amounts of Visual Data (WS-LAVD)*, 2009.